



J1011 U.S. PTO

09/963668



09/27/01

**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung  
einer Patentanmeldung**

**Aktenzeichen:** 100 48 605.3

**Anmeldetag:** 30. September 2000

**Anmelder/Inhaber:** Degussa AG, Düsseldorf/DE;  
(vormals: Degussa-Hüls AG, Frankfurt am  
Main/DE)

**Bezeichnung:** Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-  
Aminosäuren unter Verwendung von Stämmen  
der Familie Enterobacteriaceae

**IPC:** C 12 N, C 07 H, C 12 P

**Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ur-  
sprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.**

München, den 2. August 2001  
**Deutsches Patent- und Markenamt**  
Der Präsident  
Im Auftrag

Dzierzon

## **Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von Stämmen der Familie Enterobacteriaceae**

Diese Erfindung betrifft ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin,  
5 unter Verwendung von Stämmen der Familie Enterobacteriaceae, in denen das pckA-Gen abgeschwächt wird.

### **Stand der Technik**

L-Aminosäuren finden in der Tierernährung, in der  
10 Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie Anwendung.

Es ist bekannt L-Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen der Enterobacteriaceae, insbesondere Escherichia coli und Serratia marcescens, herzustellen. Wegen der großen  
15 Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen, wie z.B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z.B. die Zuckerkonzentration während der  
20 Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform, durch z.B. Ionenaustauschchromatographie, oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser  
25 Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z.B. das Threonin-Analogon  $\alpha$ -Amino- $\beta$ -Hydroxyvaleriansäure (AHV) oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und  
30 L-Aminosäuren wie z.B. L-Threonin produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung L-Aminosäuren produzierender Stämme der Familie Enterobacteriaceae eingesetzt, indem man einzelne

Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung  
auf die Produktion untersucht.

## Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich die Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin, bereitzustellen.

5

## Beschreibung der Erfindung

Gegenstand der Erfindung ist ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin, unter Verwendung von Mikroorganismen der

- 10 Familie Enterobacteriaceae, die insbesondere bereits L-Threonin produzieren, und in denen die für das Enzym Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase (PEP-Carboxykinase) (EC 4.1.1.49) kodierende Nukleotidsequenz (pckA-Gen) abgeschwächt wird.

- 15 Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise  
20 einen schwachen Promotor oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

- Das Verfahren ist dadurch gekennzeichnet, daß man folgende  
25 Schritte durchführt:

- a) Fermentation von Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, in denen zumindest das pckA-Gen abgeschwächt wird,
- b) Anreicherung der entsprechenden L-Aminosäure im  
30 Medium oder in den Zellen der Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, und
- c) Isolieren der gewünschten L-Aminosäure.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Aminosäuren aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, gegebenenfalls Stärke, gegebenenfalls Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es handelt sich um Vertreter der Familie Enterobacteriaceae, ausgewählt aus den Gattungen Escherichia, Erwinia, Providencia und Serratia. Die Gattungen Escherichia und Serratia werden bevorzugt. Bei der Gattung Escherichia ist insbesondere die Art Escherichia coli und bei der Gattung Serratia insbesondere die Art Serratia marcescens zu nennen.

Geeignete, insbesondere L-Threonin produzierende Stämme der Gattung Escherichia, insbesondere der Art Escherichia coli sind beispielsweise

- 15 Escherichia coli TF427
- Escherichia coli H4578
- Escherichia coli KY10935
- Escherichia coli VNIIGenetika MG442
- Escherichia coli VNIIGenetika M1
- 20 Escherichia coli VNIIGenetika 472T23
- Escherichia coli BKIIM B-3996
- Escherichia coli kat 13
- Escherichia coli KCCM-10132

Geeignete L-Threonin produzierende Stämme der Gattung Serratia, insbesondere der Art Serratia marcescens sind beispielsweise

- Serratia marcescens HNr21
- Serratia marcescens TLr156
- Serratia marcescens T2000
- 30 L-Threonin produzierende Stämme aus der Familie der Enterobacteriaceae besitzen bevorzugt unter anderen ein oder mehrere der genetischen bzw. phänotypischen Merkmale ausgewählt aus der Gruppe: Resistenz gegen  $\alpha$ -Amino- $\beta$ -Hydroxyvaleriansäure, Resistenz gegen Thialysin, Resistenz
- 35 gegen Ethionin, Resistenz gegen  $\alpha$ -Methylserin, Resistenz

- gegen Diaminobernsteinsäure, Resistenz gegen  $\alpha$ -Aminobuttersäure, Resistenz gegen Borrelidin, Resistenz gegen Rifampicin, Resistenz gegen Valin-Analoga wie beispielsweise Valinhydroxamat, Resistenz gegen
- 5 Purinanaloga wie beispielsweise 6-Dimethylaminopurin, Bedürftigkeit für L-Methionin, gegebenenfalls partielle und kompensierbare Bedürftigkeit für L-Isoleucin, Bedürftigkeit für meso-Diaminopimelinsäure, Auxotrophie bezüglich Threonin-haltiger Dipeptide, Resistenz gegen L-Threonin,
- 10 Resistenz gegen L-Homoserin, Resistenz gegen L-Lysin, Resistenz gegen L-Methionin, Resistenz gegen L-Glutaminsäure, Resistenz gegen L-Aspartat, Resistenz gegen L-Leucin, Resistenz gegen L-Phenylalanin, Resistenz gegen L-Serin, Resistenz gegen L-Cystein, Resistenz gegen L-
- 15 Valin, Empfindlichkeit gegenüber Fluoropyruvat, defekte Threonin-Dehydrogenase, gegebenenfalls Fähigkeit zur Saccharose-Verwertung, Verstärkung des Threonin-Operons, Verstärkung der Homoserin-Dehydrogenase I-Aspartatkinase I bevorzugt der feed back resistenten Form, Verstärkung der
- 20 Homoserinkinase, Verstärkung der Threoninsynthase, Verstärkung der Aspartatkinase, gegebenenfalls der feed back resistenten Form, Verstärkung der Aspartatsemialdehyd-Dehydrogenase, Verstärkung der Phosphoenolpyruvat-Carboxylase, gegebenenfalls der feed back resistenten Form,
- 25 Verstärkung der Phosphoenolpyruvat-Synthase, Verstärkung der Transhydrogenase, Verstärkung des RhtB-Genproduktes, Verstärkung des RhtC-Genproduktes, Verstärkung des YfiK-Genproduktes, Verstärkung der Malat:Chinon Oxidoreduktase und Verstärkung einer Pyruvat-Carboxylase und Abschwächung
- 30 der Essigsäurebildung.

Es wurde gefunden, daß Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae nach Abschwächung, insbesondere Ausschaltung des für die PEP-Carboxykinase (EC 4.1.1.49) kodierenden pckA-Gens in verbesserter Weise L-Aminosäuren,

35 insbesondere L-Threonin produzieren.

Die Nukleotidsequenz des pckA-Gens von Escherichia coli wurde von Medina et al. (Journal of Bacteriology 172, 7151-7156 (1990) publiziert und kann ebenfalls der von Blattner et al. (Science 277, 1453 - 1462 (1997) publizierten

- 5 Genomsequenz von Escherichia coli entnommen werden. Die Nukleotidsequenz des pckA-Gens von Escherichia coli ist in SEQ ID No. 1 und die Aminosäuresequenz des dazugehörigen Genproduktes in SEQ ID No. 2 dargestellt.

- Die in den angegebenen Textstellen beschriebenen pckA-Gene  
10 können erfindungsgemäß verwendet werden. Weiterhin können Allele des pckA-Gens verwendet werden, die sich aus der Degeneriertheit des genetischen Codes oder durch funktionsneutrale Sinnmutationen (sense mutations) ergeben.

- Zur Erzielung einer Abschwächung können beispielsweise die  
15 Expression des pckA-Gens oder die katalytischen Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt bzw. ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.

- Die Verringerung der Genexpression kann durch geeignete  
20 Kulturführung, durch genetische Veränderung (Mutation) der Signalstrukturen der Genexpression oder auch durch Antisense-RNA Technik erfolgen. Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren,  
25 Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem beispielsweise bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191-195 (1998)), bei Carrier und Keasling (Biotechnology Progress 15, 58-64 (1999), Franch  
30 und Gerdes (Current Opinion in Microbiology 3, 159-164 (2000)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie beispielsweise dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von  
35 Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990).

Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen, sind aus dem Stand der Technik bekannt. Als Beispiele seien die Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Yano et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA 95, 5511-5515 (1998)), Wente und Schachmann (Journal of Biological Chemistry 266, 20833-20839 (1991)) genannt. Zusammenfassende Darstellungen können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen, Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen (missense mutations) oder Nichtsinnmutationen (nonsense mutations) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen (frame shift mutations), die dazu führen, daß falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Ein Beispiel für ein Plasmid, mit Hilfe dessen das pckA-Gen von Escherichia coli durch ortsspezifische Mutagenese abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet werden kann, ist das Plasmid pMAK705ΔpckA (Figur 1). Es enthält lediglich einen Teil der 5'- und einen Teil der 3'-Region des pckA-

Gens. Ein 349 bp langer Abschnitt der Kodierregion fehlt (Deletion). Die Sequenz dieser für die Mutagenese des pckA-Gens einsetzbaren DNA ist in SEQ ID No. 3 dargestellt.

- Die Deletionsmutation des pckA-Gens kann durch Gen- bzw.  
5 Allelaustausch in geeignete Stämme eingebaut werden.

Eine gebräuchliche Methode ist die von Hamilton et al. (Journal of Bacteriology 174, 4617 - 4622 (1989)) beschriebene Methode des Genaustauschs mit Hilfe eines konditional replizierenden pSC101-Derivates pMAK705. Andere  
10 im Stand der Technik beschriebene Methoden wie beispielsweise die von Martinez-Morales et al. (Journal of Bacteriology 1999, 7143-7148 (1999)) oder die von Boyd et al. (Journal of Bacteriology 182, 842-847 (2000)) können gleichfalls benutzt werden.

- 15 Nach erfolgtem Austausch liegt in dem betreffenden Stamm die in SEQ ID No. 4 dargestellte Form des  $\Delta$ pckA-Allels vor, die ebenfalls Gegenstand der Erfindung ist.

Es ist ebenfalls möglich, Mutationen im pckA-Gen oder Mutationen, die die Expression des pckA-Gens betreffen,  
20 durch Konjugation oder Transduktion in verschiedene Stämme zu überführen.

Weiterhin kann es für die Produktion von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin mit Stämmen der Familie Enterobacteriaceae vorteilhaft sein, zusätzlich zur  
25 Abschwächung des pckA-Gens ein oder mehrere Enzyme des bekannten Threonin-Biosyntheseweges oder Enzyme des anaplerotischen Stoffwechsels oder Enzyme für die Produktion von reduziertem Nicotinamid-Adenin-Dinukleotid-Phosphat zu verstärken.

- 30 Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme bzw. Proteine in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene

erhöht, einen starken Promotor oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym bzw. Protein mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

- 5 So können beispielsweise gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- das für die Aspartatkinase, die Homoserin-Dehydrogenase, die Homoserinkinase und die Threoninsynthase kodierende thrABC-Operon  
10 (US-A-4,278,765),
  - das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-Gen (DE-A-19 831 609),
  - das für die Phosphoenolpyruvat-Synthase kodierende pps-Gen (Molecular and General Genetics 231:332 (1992)),
  - 15 • das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxylase kodierende ppc-Gen (Gene 31:279-283 (1984)),
  - die für die Transhydrogenase kodierenden Gene pntA und pntB (European Journal of Biochemistry 158:647-653 (1986)),
  - 20 • das Homoserinresistenz vermittelnde Gen rhtB (EP-A-0994190),
  - das Threoninresistenz vermittelnde Gen rhtC (EP-A-1013765)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

- 25 Weiterhin kann es für die Produktion von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des pckA-Gens eines oder mehrere der Gene ausgewählt aus der Gruppe
- das für die Threonin-Dehydrogenase kodierende tdh-Gen  
30 (Ravnikar und Somerville, Journal of Bacteriology 169, 4716-4721 (1987)),

- das für die Malat-Dehydrogenase (E.C. 1.1.1.37) kodierende mdh-Gen (Vogel et al., Archives in Microbiology 149, 36-42 (1987)),
- 5 • das Genprodukt des offenen Leserahmens (orf) yjfA (Accession Number AAC77180 des National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) und SEQ ID No. 5)
- 10 • das Genprodukt des offenen Leserahmens (orf) ytfP (Accession Number AAC77179 des National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) und SEQ ID No. 5)

abzuschwächen, insbesondere auszuschalten oder die Expression zu verringern.

Die Abschwächung des offenen Leserahmens yjfA und/oder des  
15 offenen Leserahmens ytfP wird bevorzugt.

Ein Beispiel für ein Plasmid, mit Hilfe dessen die offenen Leserahmen yjfA und ytfP von Escherichia coli durch ortsspezifische Mutagenese abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet werden können, ist das Plasmid pMAK705 $\Delta$ yjfA  
20 (Figur 2). Es enthält lediglich die 5'- und die 3'-Flanke der ytfP-yjfA Region einschließlich sehr kurzer Reste der offenen Leserahmen yjfA und ytfP. Ein 337 bp langer Teil der ytfP-yjfA Region fehlt (Deletion). Die Sequenz dieser für die Mutagenese der ytfP-yjfA Region einsetzbaren DNA  
25 ist in SEQ ID No. 6 dargestellt.

Diese Deletionsmutation kann durch Gen- bzw. Allelaustausch in geeignete Stämme eingebaut werden.

Nach erfolgreichem Austausch liegt in dem betreffenden Stamm die in SEQ ID No. 6 dargestellte Form des  $\Delta$ ytfP- und des  
30  $\Delta$ yjfA- Allels vor, die ebenfalls Gegenstand der Erfindung ist.

Weiterhin kann es für die Produktion von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin vorteilhaft sein, zusätzlich zur

Abschwächung des pckA-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, 5 UK, 1982).

- Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von 10 Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.
- 15 Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 20 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und gegebenenfalls Cellulose, Öle und Fette wie z.B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z.B. Palmitinsäure, 25 Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z.B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren wie z.B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, 30 Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung 35 verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze verwendet werden.

Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten, wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH-Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe z.B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 25°C bis 45°C und vorzugsweise bei 30°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum an L-Aminosäuren bzw. L-Threonin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die Analyse von L-Aminosäuren kann durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin Derivatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

Eine Reinkultur des folgenden Mikroorganismus wurde am 12. September 2000 bei der Deutschen Sammlung für

Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- Escherichia coli K-12 Stamm DH5 $\alpha$ /pMAK705 als  
DSM 13720

- 5 Es ist erfindungsgemäß ebenfalls möglich, die Abschwächung der offenen Leserahmen ytfP und yjfA einzeln vorzunehmen, um zu einer verbesserten Herstellung von L-Aminosäuren zu gelangen.

- Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen  
10 Herstellung von L-Aminosäuren, wie z. B. L-Threonin, L-Isoleucin, L-Methionin, L-Homoserin und L-Lysin, insbesondere L-Threonin.

## Beispiele

Die vorliegende Erfindung wird im Folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus *Escherichia coli* sowie  
5 alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische  
Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al.  
(Molecular cloning - A laboratory manual (1989) Cold Spring  
Harbour Laboratory Press) durchgeführt. Die Transformation  
von *Escherichia coli* wurde, wenn nicht anders beschrieben,  
10 nach Chung et al. (Proceedings of the National Academy of  
Sciences of the United States of America USA (1989) 86:  
2172-2175) durchgeführt.

Die Bebrütungstemperatur bei der Herstellung von Stämmen  
und Transformanten war 37°C. Bei dem  
15 Genaustauschverfahren nach Hamilton et.al. wurden  
Temperaturen von 30°C und 44°C verwendet.

## Beispiel 1

## Konstruktion der Deletionsmutation des pckA-Gens

20 Teile der 5'- und 3'-Region des pckA-Gens wurden aus  
*Escherichia coli* K12 unter Anwendung der Polymerase-  
Kettenreaktion (PCR) sowie synthetischen Oligonukleotiden  
amplifiziert. Ausgehend von der Nukletidsequenz des pckA-  
Gens in *E. coli* K12 MG1655 (SEQ ID No. 1) wurden folgende  
25 PCR-Primer synthetisiert (MWG Biotech, Ebersberg,  
Deutschland):

pckA'5'-1: 5' - GATCCGAGCCTGACAGGTTA - 3'

pckA'5'-2: 5' - GCATGCGCTCGGTCAGGTTA - 3'

pckA'3'-1: 5' - AGGCCTGAAGATGGCACTATCG - 3'

30 pckA'3'-2: 5' - CCGGAGAAGCGTAGGTGTTA - 3'

Die für die PCR eingesetzte chromosomale E. coli K12 MG1655 DNA wurde nach Herstellerangaben mit „Qiagen Genomic-tips 100/G“ (QIAGEN, Hilden, Deutschland) isoliert. Ein ca. 500 bp grosses DNA-Fragment aus der 5'-Region des pckA-Gens (mit pck1 bezeichnet) und ein ca. 600 bp grosses DNA-Fragment aus der 3'-Region des pckA-Gens (mit pck2 bezeichnet) konnte mit den spezifischen Primern unter Standard-PCR-Bedingungen (Innis et al. (1990) PCR Protocols. A guide to methods and applications, Academic Press) mit der Taq-DNA-Polymerase (Gibco-BRL, Eggenstein, Deutschland) amplifiziert werden. Die PCR-Produkte wurden den Herstellerangaben entsprechend jeweils mit dem Vektor pCR2.1TOPO (TOPO TA Cloning Kit, Invitrogen, Groningen, Niederlande) ligiert und in den E. coli Stamm TOP10F' transformiert. Die Selektion Plasmid tragender Zellen erfolgte auf LB Agar, der mit 50 µg/ml Ampicillin versetzt war. Nach der Plasmid DNA Isolierung wurde der Vektor pCR2.1TOPOpck2 mit den Restriktionsenzymen StuI und XbaI gespalten und das pck2-Fragment nach der Auftrennung im 0,8%igen Agarosegel mit Hilfe des QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN, Hilden, Deutschland) isoliert. Der Vektor pCR2.1TOPOpck1 wurde nach der Plasmid DNA Isolierung mit den Enzymen EcoRV und XbaI gespalten und mit dem isolierten pck2-Fragment ligiert. Der E. coli Stamm DH5α wurde mit dem Ligationsansatz transformiert und Plasmid tragende Zellen auf LB Agar, der mit 50 µg/ml Ampicillin versetzt war, selektioniert. Nach der Plasmid DNA Isolierung wurden durch die Kontrollspaltung mit den Enzymen SpeI und XbaI solche Plasmide nachgewiesen, in denen die in SEQ ID No. 3 dargestellte mutagene DNA Sequenz kloniert vorliegt. Eines der Plasmide wurde als pCR2.1TOPOΔpckA bezeichnet.

## Beispiel 2

### Konstruktion des Austauschvektors pMAK705ΔpckA

Das in Beispiel 1 beschriebene pckA-Allel wurde aus dem Vektor pCR2.1TOPOΔpckA nach der Restriktion mit den Enzymen

SpeI und XbaI und Auftrennung im 0,8%igen Agarosegel isoliert und mit dem Plasmid pMAK705 (Hamilton et al. (1989) Journal of Bacteriology 174, 4617 - 4622), das mit dem Enzym XbaI verdaut worden war, ligiert. Der

5 Ligationsansatz wurde in DH5 $\alpha$  transformiert und Plasmid tragende Zellen auf LB Agar, der mit 20  $\mu$ g/ml Chloramphenicol versetzt war, selektioniert. Die erfolgreiche Klonierung wurde nach Plasmid DNA Isolierung und Spaltung mit den Enzymen HpaI, KpnI, HindIII, SalI und

10 PstI nachgewiesen. Der entstandene Austauschvektor pMAK705 $\Delta$ pckA (= pMAK705deltapckA) ist in Figur 1 dargestellt.

### Beispiel 3

15 Ortsspezifische Mutagenese des pckA-Gens in dem E. coli Stamm MG442

Der L-Threonin produzierende E. coli Stamm MG442 ist in der Patentschrift US-A- 4,278,765 beschrieben und bei der Russischen Nationalsammlung für industrielle

20 Mikroorganismen (VKPM, Moskau, Russland) als CMIM B-1628 hinterlegt.

Für den Austausch des chromosomalen pckA-Gens gegen das Plasmid-kodierte Deletionskonstrukt wurde MG442 mit dem Plasmid pMAK705 $\Delta$ pckA transformiert. Der Genaustausch

25 erfolgte mit dem von Hamilton et al. (1989) Journal of Bacteriology 174, 4617 - 4622) beschriebenen Selektionsverfahren und wurde durch Standard-PCR-Methoden (Innis et al. (1990) PCR Protocols. A guide to methods and applications, Academic Press) mit folgenden Oligonukleotid

30 Primern verifiziert:

pckA'5'-1: 5' - GATCCGAGCCTGACAGGTTA - 3'

pckA'3'-2: 5' - CCGGAGAAGCGTAGGTGTTA - 3'

Der erhaltene Stamm wurde als MG442 $\Delta$ pckA bezeichnet.

## Beispiel 4

Herstellung von L-Threonin mit dem Stamm MG442 $\Delta$ pckA

MG442 $\Delta$ pckA wurde auf Minimalmedium mit der folgenden

- 5 Zusammensetzung vermehrt: 3,5 g/l  $\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ , 1,5 g/l  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ , 1 g/l  $\text{NH}_4\text{Cl}$ , 0,1 g/l  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ , 2 g/l Glucose, 20 g/l Agar. Die Bildung von L-Threonin wurde in batch Kulturen von 10 ml, die in 100 ml Erlenmeierkolben enthalten waren, überprüft. Dazu wurde 10 ml
- 10 Vorkulturmedium der folgenden Zusammensetzung: 2 g/l Hefeextrakt, 10 g/l  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ , 1 g/l  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ , 0,5 g/l  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ , 15 g/l  $\text{CaCO}_3$ , 20 g/l Glucose beimpft und für 16 Stunden bei 37°C und 180 rpm auf einem ESR Inkubator der Firma Kühner AG (Birsfelden, Schweiz) inkubiert. 250  $\mu$ l
- 15 dieser Vorkultur wurden in 10 ml Produktionsmedium (25 g/l  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ , 2 g/l  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ , 1 g/l  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ , 0,03 g/l  $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ , 0,018 g/l  $\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ , 30 g/l  $\text{CaCO}_3$ , 20 g/l Glucose) überimpft und für 48 Stunden bei 37°C inkubiert. Nach der Inkubation wurde die optische Dichte (OD) der
- 20 Kultursuspension mit einem LP2W-Photometer der Firma Dr. Lange (Berlin, Deutschland) bei einer Messwellenlänge von 660 nm bestimmt.

Anschließend wurde die Konzentration an gebildetem L-Threonin im steril filtrierten Kulturüberstand mit einem

- 25 Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenreaktion mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuches dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD	L-Threonin g/l
MG442	6,0	1,5
MG442 $\Delta$ pckA	5,4	3,7

Folgende Figuren sind beigelegt:

- Figur 1: pMAK705ΔpckA ( = pMAK705deltapckA)
- Figur 2: pMAK705ΔyjfA ( = pMAK705deltayjfA)

Längenangaben sind als ca.-Angaben aufzufassen. Die  
5 verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende  
Bedeutung:

- cat: Chloramphenicolresistenzgen
- rep-ts: temperatursensitive Replikationsregion des  
Plasmides pSC101
- 10 • pck1: Teil der 5'-Region des pckA-Gens
- pck2: Teil der 3'-Region des pckA-Gens
- ytfP'-yjfA': trunkeerte Kodierregionen von ytfP und yjfA

Die Abkürzungen für die Restriktionsenzyme haben folgende  
15 Bedeutung

- BamHI: Restriktionsendonuklease aus Bacillus  
amyloliquefaciens
- BglII: Restriktionsendonuklease aus Bacillus globigii
- ClaI: Restriktionsendonuklease aus Caryphanon latum
- 20 • EcoRI: Restriktionsendonuklease aus Escherichia coli
- EcoRV: Restriktionsendonuklease aus Escherichia coli
- HindIII: Restriktionsendonuklease aus Haemophilus  
influenzae
- KpnI: Restriktionsendonuklease aus Klebsiella  
25 pneumoniae

- PstI: Restriktionsendonuklease aus *Providencia stuartii*
- PvuI: Restriktionsendonuklease aus *Proteus vulgaris*
- 5 • SacI: Restriktionsendonuklease aus *Streptomyces achromogenes*
- SalI: Restriktionsendonuklease aus *Streptomyces albus*
- SmaI: Restriktionsendonuklease aus *Serratia marcescens*
- XbaI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas badrii*
- 10 • XhoI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas holcicola*

## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; Degussa-Hüls AG

5 <120> Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren  
unter Verwendung von Stämmen der Familie Enterobacteriaceae.

&lt;130&gt; 000425 BT

10 <140>  
<141>

&lt;160&gt; 6

15 &lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1622

&lt;212&gt; DNA

20 &lt;213&gt; Escherichia coli

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(1620)

25 &lt;223&gt; pckA

&lt;400&gt; 1

30	atg cgc gtt aac aat ggt ttg acc ccg caa gaa ctc gag gct tat ggt	48
	Met Arg Val Asn Asn Gly Leu Thr Pro Gln Glu Leu Glu Ala Tyr Gly	
	1 5 10 15	
35	atc agt gac gta cat gat atc gtt tac aac cca agc tac gac ctg ctg	96
	Ile Ser Asp Val His Asp Ile Val Tyr Asn Pro Ser Tyr Asp Leu Leu	
	20 25 30	
40	tat cag gaa gag ctc gat ccg agc ctg aca ggt tat gag cgc ggg gtg	144
	Tyr Gln Glu Glu Leu Asp Pro Ser Leu Thr Gly Tyr Glu Arg Gly Val	
	35 40 45	
45	tta act aat ctg ggt gcc gtt gcc gtc gat acc ggg atc ttc acc ggt	192
	Leu Thr Asn Leu Gly Ala Val Ala Val Asp Thr Gly Ile Phe Thr Gly	
	50 55 60	
50	cgt tca cca aaa gat aag tat atc gtc cgt gac gat acc act cgc gat	240
	Arg Ser Pro Lys Asp Lys Tyr Ile Val Arg Asp Asp Thr Thr Arg Asp	
	65 70 75 80	
55	act ttc tgg tgg gca gac aaa ggc aaa ggt aag aac gac aac aaa cct	288
	Thr Phe Trp Trp Ala Asp Lys Gly Lys Gly Lys Asn Asp Asn Lys Pro	
	85 90 95	
60	ctc tct ccg gaa acc tgg cag cat ctg aaa ggc ctg gtg acc agg cag	336
	Leu Ser Pro Glu Thr Trp Gln His Leu Lys Gly Leu Val Thr Arg Gln	
	100 105 110	
65	ctt tcc ggc aaa cgt ctg ttc gtt gtc gac gct ttc tgt ggt gcg aac	384
	Leu Ser Gly Lys Arg Leu Phe Val Val Asp Ala Phe Cys Gly Ala Asn	
	115 120 125	
70	ccg gat act cgt ctt tcc gtc cgt ttc atc acc gaa gtg gcc tgg cag	432
	Pro Asp Thr Arg Leu Ser Val Arg Phe Ile Thr Glu Val Ala Trp Gln	
	130 135 140	
75	gcg cat ttt gtc aaa aac atg ttt att cgc ccg agc gat gaa gaa ctg	480
	Ala His Phe Val Lys Asn Met Phe Ile Arg Pro Ser Asp Glu Glu Leu	
	145 150 155 160	

	gca ggt ttc aaa cca gac ttt atc gtt atg aac ggc gcg aag tgc act	528
	Ala Gly Phe Lys Pro Asp Phe Ile Val Met Asn Gly Ala Lys Cys Thr	
	165 170 175	
5	aac ccg cag tgg aaa gaa cag ggt ctc aac tcc gaa aac ttc gtg gcg	576
	Asn Pro Gln Trp Lys Glu Gln Gly Leu Asn Ser Glu Asn Phe Val Ala	
	180 185 190	
10	ttt aac ctg acc gag cgc atg cag ctg att ggc ggc acc tgg tac ggc	624
	Phe Asn Leu Thr Glu Arg Met Gln Leu Ile Gly Gly Thr Trp Tyr Gly	
	195 200 205	
15	ggc gaa atg aag aaa ggg atg ttc tcg atg atg aac tac ctg ctg ccg	672
	Gly Glu Met Lys Lys Gly Met Phe Ser Met Met Asn Tyr Leu Leu Pro	
	210 215 220	
20	ctg aaa ggt atc gct tct atg cac tgc tcc gcc aac gtt ggt gag aaa	720
	Leu Lys Gly Ile Ala Ser Met His Cys Ser Ala Asn Val Gly Glu Lys	
	225 230 235 240	
25	ggc gat gtt gcg gtg ttc ttc ggc ctt tcc ggc acc ggt aaa acc acc	768
	Gly Asp Val Ala Val Phe Phe Gly Leu Ser Gly Thr Gly Lys Thr Thr	
	245 250 255	
	ctt tcc acc gac ccg aaa cgt cgc ctg att ggc gat gac gaa cac ggc	816
	Leu Ser Thr Asp Pro Lys Arg Arg Leu Ile Gly Asp Asp Glu His Gly	
	260 265 270	
30	tgg gac gat gac ggc gtg ttt aac ttc gaa ggc ggc tgc tac gca aaa	864
	Trp Asp Asp Asp Gly Val Phe Asn Phe Glu Gly Gly Cys Tyr Ala Lys	
	275 280 285	
35	act atc aag ctg tcg aaa gaa gcg gaa cct gaa atc tac aac gct atc	912
	Thr Ile Lys Leu Ser Lys Glu Ala Glu Pro Glu Ile Tyr Asn Ala Ile	
	290 295 300	
40	cgt cgt gat gcg ttg ctg gaa aac gtc acc gtg cgt gaa gat ggc act	960
	Arg Arg Asp Ala Leu Leu Glu Asn Val Thr Val Arg Glu Asp Gly Thr	
	305 310 315 320	
45	atc gac ttt gat gat ggt tca aaa acc gag aac acc cgc gtt tct tat	1008
	Ile Asp Phe Asp Asp Gly Ser Lys Thr Glu Asn Thr Arg Val Ser Tyr	
	325 330 335	
	ccg atc tat cac atc gat aac att gtt aag ccg gtt tcc aaa gcg ggc	1056
	Pro Ile Tyr His Ile Asp Asn Ile Val Lys Pro Val Ser Lys Ala Gly	
	340 345 350	
50	cac gcg act aag gtt atc ttc ctg act gct gat gct ttc ggc gtg ttg	1104
	His Ala Thr Lys Val Ile Phe Leu Thr Ala Asp Ala Phe Gly Val Leu	
	355 360 365	
55	ccg ccg gtt tct cgc ctg act gcc gat caa acc cag tat cac ttc ctc	1152
	Pro Pro Val Ser Arg Leu Thr Ala Asp Gln Thr Gln Tyr His Phe Leu	
	370 375 380	
60	tct ggc ttc acc gcc aaa ctg gcc ggt act gag cgt ggc atc acc gaa	1200
	Ser Gly Phe Thr Ala Lys Leu Ala Gly Thr Glu Arg Gly Ile Thr Glu	
	385 390 395 400	
65	ccg acg cca acc ttc tcc gct tgc ttc ggc gcg gca ttc ctg tcg ctg	1248
	Pro Thr Pro Thr Phe Ser Ala Cys Phe Gly Ala Ala Phe Leu Ser Leu	
	405 410 415	

cac ccg act cag tac gca gaa gtg ctg gtg aaa cgt atg cag gcg gcg 1296  
 His Pro Thr Gln Tyr Ala Glu Val Leu Val Lys Arg Met Gln Ala Ala  
 420 425 430

5 ggc gcg cag gct tat ctg gtt aac act ggc tgg aac ggc act ggc aaa 1344  
 Gly Ala Gln Ala Tyr Leu Val Asn Thr Gly Trp Asn Gly Thr Gly Lys  
 435 440 445

10 cgt atc tcg att aaa gat acc cgc gcc att atc gac gcc atc ctc aac 1392  
 Arg Ile Ser Ile Lys Asp Thr Arg Ala Ile Ile Asp Ala Ile Leu Asn  
 450 455 460

15 ggt tcg ctg gat aat gca gaa acc ttc act ctg ccg atg ttt aac ctg 1440  
 Gly Ser Leu Asp Asn Ala Glu Thr Phe Thr Leu Pro Met Phe Asn Leu  
 465 470 475 480

20 gcg atc cca acc gaa ctg ccg ggc gta gac acg aag att ctc gat ccg 1488  
 Ala Ile Pro Thr Glu Leu Pro Gly Val Asp Thr Lys Ile Leu Asp Pro  
 485 490 495

cgt aac acc tac gct tct ccg gaa cag tgg cag gaa aaa gcc gaa acc 1536  
 Arg Asn Thr Tyr Ala Ser Pro Glu Gln Trp Gln Glu Lys Ala Glu Thr  
 500 505 510

25 ctg gcg aaa ctg ttt atc gac aac ttc gat aaa tac acc gac acc cct 1584  
 Leu Ala Lys Leu Phe Ile Asp Asn Phe Asp Lys Tyr Thr Asp Thr Pro  
 515 520 525

30 gcg ggt gcc gcg ctg gta gcg gct ggt ccg aaa ctg taa 1623  
 Ala Gly Ala Ala Leu Val Ala Ala Gly Pro Lys Leu  
 530 535 540

35 <210> 2  
 <211> 540  
 <212> PRT  
 <213> Escherichia coli

40 <400> 2  
 Met Arg Val Asn Asn Gly Leu Thr Pro Gln Glu Leu Glu Ala Tyr Gly  
 1 5 10 15

45 Ile Ser Asp Val His Asp Ile Val Tyr Asn Pro Ser Tyr Asp Leu Leu  
 20 25 30

Tyr Gln Glu Glu Leu Asp Pro Ser Leu Thr Gly Tyr Glu Arg Gly Val  
 35 40 45

50 Leu Thr Asn Leu Gly Ala Val Ala Val Asp Thr Gly Ile Phe Thr Gly  
 50 55 60

Arg Ser Pro Lys Asp Lys Tyr Ile Val Arg Asp Asp Thr Thr Arg Asp  
 65 70 75 80

55 Thr Phe Trp Trp Ala Asp Lys Gly Lys Gly Lys Asn Asp Asn Lys Pro  
 85 90 95

60 Leu Ser Pro Glu Thr Trp Gln His Leu Lys Gly Leu Val Thr Arg Gln  
 100 105 110

Leu Ser Gly Lys Arg Leu Phe Val Val Asp Ala Phe Cys Gly Ala Asn  
 115 120 125

65 Pro Asp Thr Arg Leu Ser Val Arg Phe Ile Thr Glu Val Ala Trp Gln  
 130 135 140

	Ala	His	Phe	Val	Lys	Asn	Met	Phe	Ile	Arg	Pro	Ser	Asp	Glu	Glu	Leu	145	150	155									160
5	Ala	Gly	Phe	Lys	Pro	Asp	Phe	Ile	Val	Met	Asn	Gly	Ala	Lys	Cys	Thr		165		170							175	
	Asn	Pro	Gln	Trp	Lys	Glu	Gln	Gly	Leu	Asn	Ser	Glu	Asn	Phe	Val	Ala		180		185						190		
10	Phe	Asn	Leu	Thr	Glu	Arg	Met	Gln	Leu	Ile	Gly	Gly	Thr	Trp	Tyr	Gly	195		200				205					
	Gly	Glu	Met	Lys	Lys	Gly	Met	Phe	Ser	Met	Met	Asn	Tyr	Leu	Leu	Pro	210		215				220					
15	Leu	Lys	Gly	Ile	Ala	Ser	Met	His	Cys	Ser	Ala	Asn	Val	Gly	Glu	Lys	225		230			235					240	
20	Gly	Asp	Val	Ala	Val	Phe	Phe	Gly	Leu	Ser	Gly	Thr	Gly	Lys	Thr	Thr		245		250						255		
	Leu	Ser	Thr	Asp	Pro	Lys	Arg	Arg	Leu	Ile	Gly	Asp	Asp	Glu	His	Gly		260		265						270		
25	Trp	Asp	Asp	Asp	Gly	Val	Phe	Asn	Phe	Glu	Gly	Gly	Cys	Tyr	Ala	Lys		275		280				285				
	Thr	Ile	Lys	Leu	Ser	Lys	Glu	Ala	Glu	Pro	Glu	Ile	Tyr	Asn	Ala	Ile	290		295				300					
30	Arg	Arg	Asp	Ala	Leu	Leu	Glu	Asn	Val	Thr	Val	Arg	Glu	Asp	Gly	Thr	305		310			315					320	
	Ile	Asp	Phe	Asp	Asp	Gly	Ser	Lys	Thr	Glu	Asn	Thr	Arg	Val	Ser	Tyr		325		330						335		
35	Pro	Ile	Tyr	His	Ile	Asp	Asn	Ile	Val	Lys	Pro	Val	Ser	Lys	Ala	Gly		340		345					350			
40	His	Ala	Thr	Lys	Val	Ile	Phe	Leu	Thr	Ala	Asp	Ala	Phe	Gly	Val	Leu		355		360				365				
	Pro	Pro	Val	Ser	Arg	Leu	Thr	Ala	Asp	Gln	Thr	Gln	Tyr	His	Phe	Leu	370		375				380					
45	Ser	Gly	Phe	Thr	Ala	Lys	Leu	Ala	Gly	Thr	Glu	Arg	Gly	Ile	Thr	Glu	385		390			395					400	
50	Pro	Thr	Pro	Thr	Phe	Ser	Ala	Cys	Phe	Gly	Ala	Ala	Phe	Leu	Ser	Leu		405		410					415			
	His	Pro	Thr	Gln	Tyr	Ala	Glu	Val	Leu	Val	Lys	Arg	Met	Gln	Ala	Ala		420		425				430				
55	Gly	Ala	Gln	Ala	Tyr	Leu	Val	Asn	Thr	Gly	Trp	Asn	Gly	Thr	Gly	Lys		435		440			445					
	Arg	Ile	Ser	Ile	Lys	Asp	Thr	Arg	Ala	Ile	Ile	Asp	Ala	Ile	Leu	Asn	450		455			460						
60	Gly	Ser	Leu	Asp	Asn	Ala	Glu	Thr	Phe	Thr	Leu	Pro	Met	Phe	Asn	Leu	465		470			475					480	
65	Ala	Ile	Pro	Thr	Glu	Leu	Pro	Gly	Val	Asp	Thr	Lys	Ile	Leu	Asp	Pro		485		490					495			

Arg Asn Thr Tyr Ala Ser Pro Glu Gln Trp Gln Glu Lys Ala Glu Thr  
500 505 510

5 Leu Ala Lys Leu Phe Ile Asp Asn Phe Asp Lys Tyr Thr Asp Thr Pro  
515 520 525

Ala Gly Ala Ala Leu Val Ala Ala Gly Pro Lys Leu  
530 535 540

10

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 1156

&lt;212&gt; DNA

15 &lt;213&gt; Escherichia coli

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (1)..(1156)

20 &lt;223&gt; Mutagene DNA

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (1)..(522)

25 &lt;223&gt; Teil der 5'-Region (pck1) des pckA-Gens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (523)..(542)

30 &lt;223&gt; Technische DNA/Reste Polylinker-Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

&lt;222&gt; (543)..(1156)

35 &lt;223&gt; Teil der 3'-Region (pck2) des pckA-Gens

&lt;400&gt; 3

ctagtaacgg ccgccagtgt gctggaattc ggcttgatcc gagcctgaca ggttatgagc 60  
gcggggtgtt aactaatctg ggtgccgttg ccgtcgatac cgggatcttc accgggtcgtt 120  
40 caccaaaaga taagtatatc gtccgtgacg ataccactcg cgatactttc tgggtgggcag 180  
acaaaggcaa aggtaagaac gacaacaaac ctctctctcc ggaaacctgg cagcatctga 240  
aaggcctggt gaccaggcag ctttcgggca aacgtctgtt cgttgctgac gctttctgtg 300  
gtgcgaaccc ggataactcg ctttcgctcc gtttcatcac cgaagtggcc tggcaggcgc 360  
atctttgtcaa aaacatggtt attcgcccga gcgatgaaga actggcaggt ttcaaaccag 420  
45 actttatcgt tatgaacggc gcgaagtgca ctaacccgca gtggaaagaa cagggtctca 480  
actccgaaaa cttcgtggcg tttaacctga ccgagcgcac gcaagccgaa ttctgcagat 540  
cctgaagatg gcactatcga ctttgatgat ggttcaaaaa ccgagaacac ccgcgtttct 600  
tatccgatct atcacatcga taacattggt aagccggttt ccaaagcggg ccacgcgact 660  
aaggttatct tcctgactgc tgatgctttc ggctgtgttc cgccggtttc tcgcctgact 720  
50 gccgatcaaa ccagtatca cttcctctct ggcttcaccg ccaaactggc cgggtactgag 780  
cgtggcatca ccgaaccgac gccaaccttc tccgcttgct tcggcgcggc attcctgtcg 840  
ctgcacccga ctcagtacgc agaagtgtg gtgaaacgta tgcaggcggc gggcgcgcgag 900  
gcttatctgg ttaacactgg ctggaacggc actggcaaac gtatctcgat taaagatacc 960  
cgcgccatta tcgacgccat cctcaacggg tcgctggata atgcagaaac cttcactctg 1020  
55 ccgatgttta acctggcgat cccaaccgaa ctgccgggcg tagacacgaa gattctcgat 1080  
ccgcgtaaca cctacgcttc tccggaagcc gaattctgca gatatccatc acactggcgg 1140  
ccgctcgagc atgcat 1156

60 &lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 1294

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Escherichia coli

65 &lt;220&gt;

&lt;221&gt; misc\_feature

```

<222> (1)..(3)
<223> Startkodon des delta pckA-Allels

<220>
5 <221> misc_feature
  <222> (1)..(598)
  <223> 5'-Region des delta pckA-Allels

<220>
10 <221> misc_feature
   <222> (599)..(618)
   <223> Technische DNA/Reste Polylinker-Sequenz

<220>
15 <221> misc_feature
   <222> (619)..(1291)
   <223> 3'-Region des delta pckA-Allels

<220>
20 <221> misc_feature
   <222> (1292)..(1294)
   <223> Stopkodon des delta pckA-Allels

<400> 4
25 atgcgcgtta acaatggttt gaccccgcaa gaactcgagg cttatggtat cagtgcgcta 60
   catgatatcg tttaacaacc aagctacgac ctgctgtatc aggaagagct cgatccgagc 120
   ctgacagggt atgagcgcgg ggtgttaact aatctgggtg ccgttgccgt cgataccggg 180
   atcttcaccg gtcgttcacc aaaagataag tatatcgctc gtgacgatac cactcgcgat 240
   actttctggt gggcagacaa aggcaaaggt aagaacgaca acaaacctct ctctccggaa 300
30 acctggcagc atctgaaagg cctgggtgacc aggcagcttt ccggcaaacg tctgttcggt 360
   gtcgacgctt tctgtggtgc gaaccgggat actcgtcttt ccgtccgttt catcaccgaa 420
   gtggcctggc aggcgcattt tgtcaaaaac atgtttattc gcccgagcga tgaagaactg 480
   gcaggtttca aaccagactt tatcgttatg aacggcgcgga agtgactacta cccgcagtgg 540
   aaagaacagg gtctcaactc cgaaaacttc gtggcggtta acctgaccga gcgcatgcaa 600
35 gccgaattct gcagatcctg aagatggcac tatcgacttt gatgatggtt caaaaaccga 660
   gaacaccgcg gtttcttata cgatctatca catcgataac attgttaagc cggtttccaa 720
   agcggggccac gcgactaagg ttatcttcct gactgctgat gctttcggcg tgttgccgcc 780
   ggtttctcgc ctgactgccg atcaaaacca gtatcacttc ctctctgggt tcaccgccaa 840
   actggccggt actgagcgtg gcatcaccga accgacgcca accttctccg cttgcttcgg 900
40 cgcggcattc ctgtcgctgc acccgactca gtacgcagaa gtgctggtga aacgtatgca 960
   ggcgggcgggc gcgcaggctt atctggttaa cactggctgg aacggcactg gcaaacgtat 1020
   ctcgattaaa gataccgcgc ccattatcga cgccatcctc aacggttcgc tggataatgc 1080
   agaaaccttc actctgccga tgtttaacct ggcatccca accgaactgc cgggcgtaga 1140
   cacgaagatt ctgatccgc gtaacaccta cgcttctccg gaacagtggc aggaaaaagc 1200
45 cgaaaccctg gcgaaactgt ttatcgaaa cttcgataaa tacaccgaca cccctgcggg 1260
   tgccgcgctg gtagcggtg gtccgaaact gtaa 1294

<210> 5
50 <211> 1248
   <212> DNA
   <213> Escherichia coli

<220>
55 <221> gene
   <222> (376)..(714)
   <223> ORF ytfP

<220>
60 <221> gene
   <222> Complement((461)..(727))
   <223> ORF yjfa

<400> 5
65 ggcatgtcgc caacaagctg ctttgtctta tttgctacgt ggacaagggc tggagagcga 60
   tcagagcgac agtgcggaac tgacctgat gctgattggt ttgggggttg cgaaagtgg 120

```

```

ccagattgtg ggtaaaatcg gcgagacgtt tggcgtaagc aatttagcgc tcgacaccca 180
gggagtaggc gactcctccc aggtagtggg cagcggctat gtattgccag gtctgcaagt 240
gaaatacggc gtgggtatat ttgactctat agcaacactc acgttacgtt atcgccctgat 300
5  gcctaagcta tatctggaag ccgtgtctgg tgtagaccag gcactggatt tgctctatca 360
   gttcgagttt tagcaatgcg aatatattgtc tacggcagtt tacgccacaa acaaggcaac 420
   agtcactgga tgaccaatgc ccagttactg ggcgatttca gtatcgataa ctaccagttg 480
   tatagcctgg gccactatcc aggcgagctt ccggggaacg gaacgggtaca cgggtgaagtt 540
   tatcgatttg acaacgccac gctggccgaa cttgatgcct tgcgcaccag gggcggtgaa 600
   tacgcgcgcc agttgattca gacgccgtac gggagtgcac ggatgtacgt ttatcaacga 660
10  cccgtcgatg gattaaagct aattgaaagc ggcgactggt tagacaggga taagtaacca 720
   tatgcatacg ccaccttcgg gtggcggtgt tttttgcgag acgactcgca ttctgttttg 780
   taattccctc accttttgc tttctctccg agccgctttc catatctatt aacgcataaa 840
   aaactctgct ggcattcaca aatgcgcagg ggtaaaacgt ttctgttagc accgtgagtt 900
   atactttgta taacttaagg aggtgcagat gcgtattacc ataaaaagat gggggaacag 960
15  tgcaggtatg gtcattccca atatcgtaat gaaagaactt aacttacagc cggggcagag 1020
   cgtggaggcg caagtgagca acaatcaact gattctgaca cccatctcca ggcgctactc 1080
   gcttgatgaa ctgctggcac agtgtgacat gaacgccgag gaacttagcg agcaggatgt 1140
   ctggggtaaa tccaccctg cggtgacga aatatggtaa agaaaagtga atttgaacgg 1200
20  ggagacattg tgctggttgg ctttgatcca gcaagcggcc atgaacag 1248

```

```

<210> 6
<211> 911
<212> DNA
25 <213> Escherichia coli

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(911)
30 <223> Deletion tragende ytfP-yjFA Region

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(383)
35 <223> 5'-Flanke der ytfP-yjFA Region

<220>
<221> misc_feature
<222> (384)..(911)
40 <223> 3'-Flanke der ytfP-yjFA Region

<220>
<221> misc_feature
<222> (376)..(378)
45 <223> ATG Kodon des trunkierten ORF ytfP

<220>
<221> misc_feature
<222> Complement((725)..(727))
50 <223> ATG Kodon des trunkierten ORF yjFA

```

```

<400> 6
ggc gatgtcg caacaagctg ccttgtctta tttgctacgt ggacaagggc tggagagcga 60
tcagagcgac agtgcggcaa tgacctcgat gctgattggt ttgggggttg cgcaaagtgg 120
55 ccagattgtg ggtaaaatcg gcgagacgtt tggcgtaagc aatttagcgc tcgacaccca 180
   gggagtaggc gactcctccc aggtagtggg cagcggctat gtattgccag gtctgcaagt 240
   gaaatacggc gtgggtatat ttgactctat agcaacactc acgttacgtt atcgccctgat 300
   gcctaagcta tatctggaag ccgtgtctgg tgtagaccag gcactggatt tgctctatca 360
   gttcgagttt tagcaatgcg aattatgcat acgccacctt cgggtggcgt tgttttttgc 420
60 gagacgactc gcattctgtt ttgtaattcc ctacactttt gcttttctct ccgagccgct 480
   ttccatatct attaacgcat aaaaaactct gctggcattc acaaatgcgc aggggtaaaa 540
   cgtttccctgt agcaccgtga gttatacttt gtataactta aggaggtgca gatgcgtatt 600
   accataaaaa gatgggggaa cagtgcaggt atggtcattc ccaatatcgt aatgaaagaa 660
   cttaacttac agccggggca gagcgtggag gcgcaagtga gcaacaatca actgattctg 720
65 acacccatct ccaggcgcta ctgccttgat gaactgctgg cacagtgtga catgaacgcc 780
   gcggaactta gcgagcagga tgtctggggt aaatccacc ctcgggtgta cgaaatatgg 840

```

taaagaaaag tgaatttgaa cggggagaca ttgtgctggt tggctttgat ccagcaagcg 900  
gccatgaaca g 911

## Patentansprüche

1. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren, insbesondere L-Threonin,  
dadurch gekennzeichnet,  
5 daß man folgende Schritte durchführt:
  - a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure produzierenden Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, in denen man zumindest das  
10 pckA-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen abschwächt, insbesondere ausschaltet,
  - b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium oder in den Zellen der Bakterien und  
15
  - c) Isolieren der L-Aminosäure.
2. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
dadurch gekennzeichnet,  
20 daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.
3. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
dadurch gekennzeichnet,  
25 daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung der gewünschten L-Aminosäure verringern.
4. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
dadurch gekennzeichnet,  
30 daß man die Expression des (der) Polynukleotides (e), das (die) für das pckA-Gen kodiert (kodieren) abschwächt, insbesondere ausschaltet.
5. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
dadurch gekennzeichnet,  
35 daß man die regulatorischen und/oder katalytischen

Eigenschaften des Polypeptids (Enzymprotein)  
verringert, für das das Polynukleotid pckA kodiert.

6. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
5 daß man zur Herstellung von L-Aminosäuren  
Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae  
fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder  
mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe:
- 10 6.1 das für die Aspartatkinase, die Homoserin-  
Dehydrogenase, die Homoserinkinase und die  
Threoninsynthese kodierende thrABC-Operon,  
6.2 das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-  
Gen,  
15 6.3 das für die Phosphoenolpyruvat-Synthase kodierende  
pps-Gen,  
6.4 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxylase  
kodierende ppc-Gen,  
6.5 die für die Transhydrogenase kodierende Gene pntA  
20 und pntB,  
6.6 das Homoserinresistenz vermittelnde Gen rhtB,  
6.7 das Threoninresistenz vermittelnde Gen rhtC  
verstärkt insbesondere überexprimiert.
7. Verfahren gemäß Anspruch 1,  
25 d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß man zur Herstellung von L-Aminosäuren Mikroorganismen  
der Familie Enterobacteriaceae fermentiert, in denen man  
gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus  
der Gruppe:
- 30 7.1 das für die Threonin-Dehydrogenase kodierende tdh-  
Gen,

- 7.2 das für die Malat-Dehydrogenase kodierende mdh-Gen,
- 7.3 das Genprodukt des offenen Leserahmens (orf) yjfA,
- 7.4 das Genprodukt des offenen Leserahmens (orf) ytfP,
- 5 abschwächt, insbesondere ausschaltet oder die Expression verringert.
8. L-Aminosäuren produzierende Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, in denen das pckA-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen abgeschwächt,
- 10 insbesondere ausgeschaltet sind, die eine Resistenz gegen  $\alpha$ -Amino- $\beta$ -Hydroxyvaleriansäure und gegebenenfalls eine kompensierbare partielle Bedürftigkeit für L-Isoleucin aufweisen.
9. Plasmid pMAK705 $\Delta$ pckA, das Teile der 5'-und der 3'-Region des pckA-Gens, entsprechend SEQ ID No. 3, enthält,
- 15 dargestellt in Figur 1.
10. Plasmid pMAK705 $\Delta$ yjfA, das die 5'- und die 3'-Flanke der ytfP-yjfA Region einschließlich sehr kurzer Reste der offenen Leserahmen yjfA- und des ytfP, entsprechend SEQ
- 20 ID No. 6 enthält, dargestellt in Figur 2.
11. Isoliertes Polynukleotid aus Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, enthaltend eine für die 5'- und 3'-Region des pckA-Gens kodierende Polynukleotidsequenz dargestellt in SEQ ID No. 4
- 25 insbesondere geeignet als Bestandteil von Plasmiden für die ortsspezifische Mutagenase des pckA-Gens
12. Isoliertes Polynukleotid aus Mikroorganismen der Familie Enterobacteriaceae, enthaltend die 5'- und 3'-Flanke der ytfP-yjfA Region, dargestellt in
- 30 SEQ ID No. 6, insbesondere geeignet als Bestandteil von Plasmiden für die ortsspezifische Mutagenese des offenen Leserahmens ytfP und/oder yjfA.

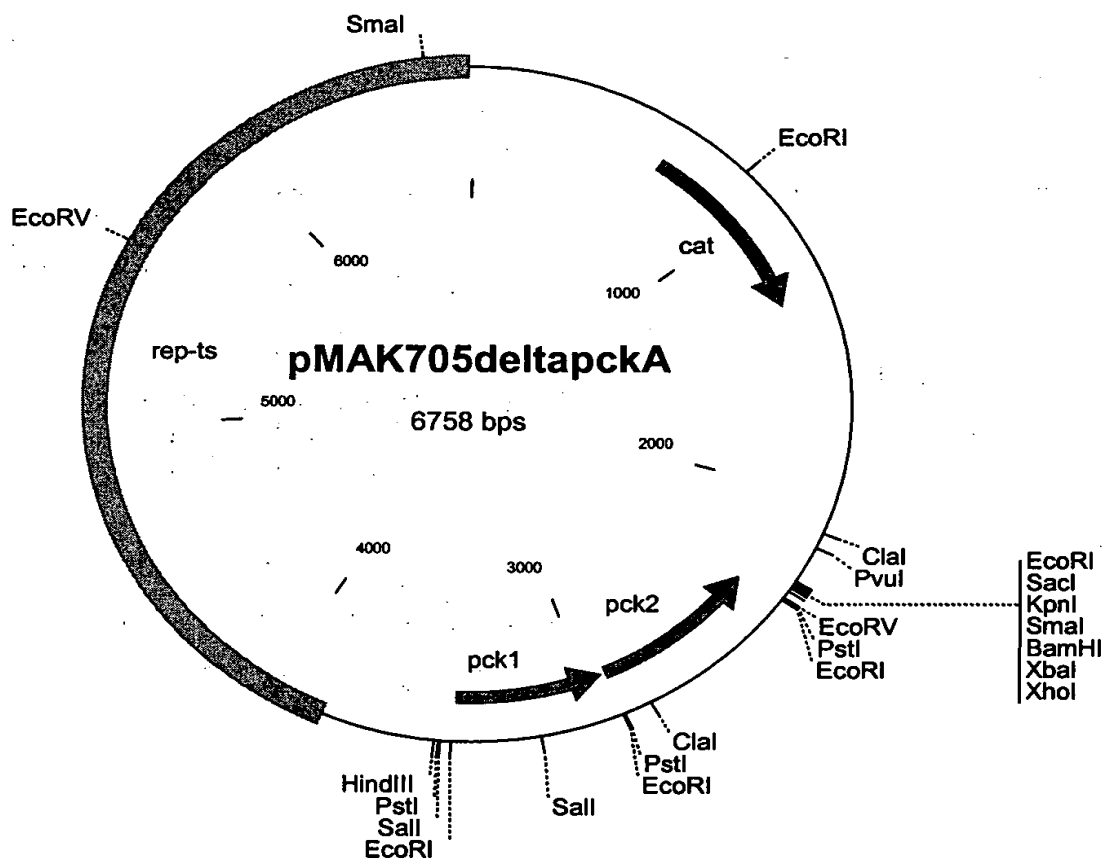
13. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
Enterobacteriaceae, enthaltend eine Mutation im pckA-  
Gen entsprechend SEQ ID No. 4.
14. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
5 Enterobacteriaceae, enthaltend eine Mutation im offenen  
Leserahmen ytfP, entsprechend SEQ ID No. 6.
15. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
Enterobacteriaceae, enthaltend eine Mutation im offenen  
Leserahmen yjfA, entsprechend SEQ ID No. 6.
- 10 16. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
Enterobacteriaceae gemäß Anspruch 13, enthaltend eine  
Mutation im offenen Leserahmen ytfP, entsprechend  
SEQ ID No. 6.
- 15 17. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
Enterobacteriaceae gemäß Anspruch 13, enthaltend eine  
Mutation im offenen Leserahmen yjfA, entsprechend  
SEQ ID No. 6.
- 20 18. L-Threonin produzierende Stämme der Familie  
Enterobacteriaceae gemäß den Ansprüchen 13, 14 oder 15,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß sie Resistenz gegen  $\alpha$ -Amino- $\beta$ -Hydroxyvaleriansäure  
aufweisen, gegebenenfalls partielle und kompensierbare  
Bedürftigkeit für L-Isoleucin besitzen.

**Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren  
unter Verwendung von Stämmen der Familie Enterobacteriaceae**

**Zusammenfassung**

1. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-  
5 Aminosäuren, insbesondere L-Threonin,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,  
daß man folgende Schritte durchführt:
  - 10 a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure  
produzierenden Mikroorganismen der Familie  
Enterobacteriaceae, in denen man zumindest das  
pckA-Gen oder dafür kodierende Nukleotidsequenzen  
abschwächt, insbesondere ausschaltet,
  - 15 b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium oder in  
den Zellen der Bakterien und
  - c) Isolieren der L-Aminosäure.

Figur 1:



Figur 2:

